

Диагностическая система для аллельной дискриминации однонуклеотидного полиморфизма на примере генотипирования ALPS синдрома у британских короткошерстных кошек

Научный руководитель – Богомаз Денис Игоревич

Бровин Андрей Николаевич

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Институт физики, нанотехнологий и телекоммуникаций, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: browin.andrew@gmail.com

Выявление однонуклеотидных замен в одинаковых участках хромосом является сложной и распространённой задачей в области диагностирования генетических заболеваний. Ключевым фактором сложности анализа является поиск отличия всего в один нуклеотид в тотальной последовательности ДНК и разрешающая способность самих молекулярных методов диагностики. Для решения данной задачи применяют разные технологии (гибридизация на ДНК матрицах, ПЦР анализ, секвенирование, масс-спектрометрия и т.д.) с разной степенью точности и эффективности [1]. Для поточных исследований распространённых заболеваний критически важным является выбор метода и технологий на основе следующих критериев: цена, точность и производительность.

В клинической ветеринарии необходимо производить массовый скрининг породистых животных. Для решения задачи потоковой диагностики в области ветеринарной генетики широко используют технологию ПЦР-РВ с применением зондов [2].

В данной работе исследуются методы повышения специфичности ПЦР анализа для задач диагностирования аутоиммунного лимфопролиферативного синдрома (ALPS) у кошек британской короткошерстной породы. В нашей лаборатории разработан метод ПЦР с зондами, который заключается в использовании олигонуклеотидов с заблокированным 3'-концом (заглушек), добавление которых повышает специфичность работы зонда. Главным условием работы предлагаемой системы является возможность тонкой настройки специфичности реакции за счет изменения соотношения концентраций заглушки и зонда.

Нами разрабатывается тест система для диагностики ALPS синдрома с максимальной специфичностью ПЦР. Кроме того, мы разрабатываем аналитическую модель, описывающую способ настройки специфичности реакции. Моделирование позволит рассчитать максимальную специфичность реакции на основе вводимых данных о начальной концентрации заглушек и зондов.

Источники и литература

- 1) Sobrino B., Brión M., Carracedo A. SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies //Forensic science international. – 2005. – Т. 154. – №. 2-3. – С. 181-194.
- 2) Klein D. Quantification using real-time PCR technology: applications and limitations// J. Trends Mol Med. — 2002. — 8. N. 6. — P. 257 - 260.